

ANÁLISE MORFOAGRONÔMICA DE GENÓTIPOS DE SISAL

Jade Cavalcante de Oliveira¹; Marilza Neves do Nascimento²

Janáira Lopes dos Santos Carneiro³

1. Graduanda em Agronomia Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: jady_fcg@hotmail.com
2. Professora Adjunta, Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: marilzaagro@hotmail.com
3. .Doutoranda em RGV/PPPG , Departamento de Ciências Biológicas, Universidade Estadual de Feira de Santana, e-mail: janairacarneiro@hotmail.com

PALAVRAS-CHAVE: Diversidade, Agave sisalana, caracterização.

INTRODUÇÃO

Agave sisalana Perrine (Agavaceae), conhecida popularmente como sisal é uma planta monocotiledônea proveniente da América Central e México. Sua introdução no Brasil ocorreu na década de 90, onde se tornou muito bem adaptada na região do semiárido nordestino. Esta facilidade de adaptação se deu, principalmente, em decorrência das condições climáticas da região, com temperaturas de 25° C, por se tratar de uma planta semixerófila que possui grande resistência a secas prolongadas e temperaturas elevadas (TRELIN, 2013).

A grande importância da cultura do sisal é atribuída à versatilidade da utilização da fibra extraída de suas folhas podendo ser utilizada para diversos fins artesanais e industriais como nas indústrias farmacêutica, automotiva, de móveis e eletrodomésticos, na construção civil (EMBRAPA ALGODÃO, 2004), bem como na fabricação de celulose para a produção de papel (SANTOS, 2011). Apesar da grande relevância atribuída à cultura, existe uma escassez de conhecimento ao se tratar da planta *in natura*, no que tange principalmente a variabilidade tanto morfológica quanto genética da espécie. A caracterização morfológica de uma determinada cultura, disponibiliza uma série de informações a respeito da variabilidade genética acerca de uma amostra estudada, possibilitando, dessa forma, conhecer o germoplasma e determinar a sua utilidade potencial e futura (ALVES et al., 2003; DAROS et al., 2002)

Devido à grande importância da cultura sisaleira para a economia do estado da Bahia, com geração de renda e emprego, torna-se fundamental a investigação da variabilidade genética entre os indivíduos cultivados na região sisaleira, a fim de subsidiar futuros programas de melhoramento genético da espécie. A ampla caracterização, utilizando descritores morfológicos, de acessos existentes de sisal se faz necessária, garantindo desta forma, a integridade dos recursos genéticos e a manutenção e o acesso a esta variabilidade genética. Por tanto, o presente trabalho tem como objetivo estimar a diversidade fenotípica existente entre indivíduos de sisal através marcadores morfoagronômicos.

MATERIAL E MÉTODOS

As amostras foram avaliadas e coletadas no município baiano de Nova Fátima. Para a caracterização morfológica dos indivíduos foi utilizado descritores quantitativos e qualitativos. Os descritores avaliados foram: altura da planta (AP), comprimento da folha (CF), diâmetro da copa (DC), diâmetro da base (DB), largura da folha (LF), largura da base foliar (LBF), espessura da base foliar (EBF), número de perfilho por

planta (NPP), número de folhas (NF), comprimento do eixo central (CEC), cor da folha, teor de brix (SS), açúcares redutores (AR) e açúcares solúveis totais (AST).

Os agrupamentos hierárquicos a partir da matriz de dissimilaridade foram obtidos pelo método UPGMA – *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (SNEATH e SOKAL, 1973). O ponto de corte para definição do número de grupos foi segundo o critério da média da matriz. As análises estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa Statistica (Statsoft Inc., 2005).

RESULTADOS E/OU DISCUSSÃO

A contribuição relativa dos caracteres pelo critério de Singh (1981), entre os 13 caracteres avaliados, apresentou uma variação entre 0,001% e 49,482% (Tabela 1). As variáveis que apresentaram maior contribuição para a formação dos grupos foram: diâmetro da copa (49,482%), número de folhas (21,819%), comprimento do eixo central (16,278%) e açúcares solúveis totais (6,855%). As variáveis que apresentaram menor contribuição para a formação dos grupos foram: largura da base foliar (0,048%), sólidos solúveis (0,039%), largura da folha (0,029%), espessura da base foliar (0,016%) e altura da planta (0,001%). Cruz e Regazzi (2001) relatam que a contribuição relativa dos caracteres auxilia no descarte de variáveis, possibilitando uma melhor escolha de variáveis a serem consideradas numa avaliação de divergência genética entre populações ou genótipos.

Tabela 1: Contribuição relativa dos parâmetros para divergência de genótipos de sisal, pela distância euclidiana média. Feira de Santana, 2016.

Caráter	S.j	Valor (%)
AP	5.987	0.001
CF	2.041	0.000
DC	283,244.000	49.482
DB	22,064.000	3.855
LF	167.040	0.029
LBF	273.500	0.048
EBF	91.553	0.016
NPP	7,760.000	1.356
NF	124,896.000	21.819
CEC	93,180.000	16.278
SS	224.000	0.039
AR	1,272.321	0.222
AST	39,241.595	6.855

S.j: Valor estimado da estatística de Singh (1981)

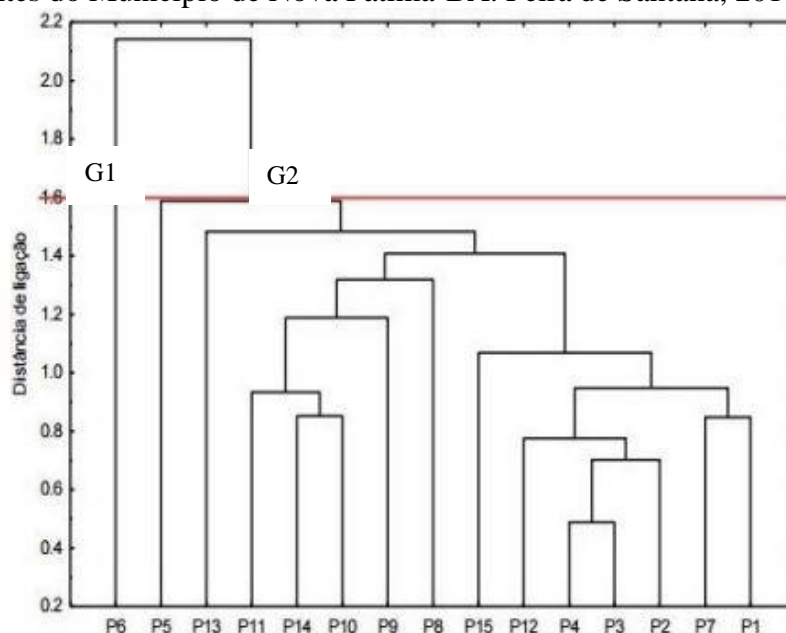
A correlação entre variáveis, medidas num mesmo indivíduo, é calculada com o intuito de verificar se existe inter-relacionamento entre essas variáveis. Em estudos que envolvem duas ou mais variáveis, é comum o interesse em conhecer o relacionamento entre elas, além das estatísticas descritivas normalmente calculadas. Existem situações em que o relacionamento entre as duas variáveis não é linear, ou uma delas não é contínua, ou o número de pares das medidas é muito pequeno. Então, para cada uma dessas situações há necessidade de uma medida adequada de associação entre as variáveis (DOWNIE E HEATH, 1959). A utilização de métodos de agrupamento tem por finalidade separar um grupo original de observações em vários subgrupos, de forma

a obter homogeneidade dentro e heterogeneidade entre os grupos (BERTAN et al.; 2006).

Pode-se observar no dendograma (Figura 1) a formação de 2 grupos. O primeiro grupo (G1) foi formado apenas pelo genótipo P6, onde destacou-se os maiores valores nas características como altura da planta 2,10m, comprimento da folha 1,21m, diâmetro da copa 265,00cm, largura da folha 13,00cm, largura da base foliar 11,00cm e comprimento do eixo central 178,00cm. Em relação às variáveis teor de brix, açúcares redutores e açúcares solúveis totais, foram observados valores 7,00, 14,29mg/ml e 39,84mg/ml respectivamente.

Os genótipos P1, P2, P3, P4, P5, P7, P8, P9, P10, P11, P12, P13, P14 E P15 compuseram o segundo grupo (G2), com valores médios de 1,63m de altura da planta, 1,05m comprimento da folha, 188,64cm do diâmetro da copa, 73,57cm de diâmetro da base, 10,90cm na largura da folha, 8,82cm na largura da base foliar, 3,37mm a espessura da base foliar, 7,23 perfilho por planta, 80 folhas e 105,14cm o comprimento do eixo central, o G2 se destacou pela ampla similaridade entre si e por apresentar o maior número de genótipos. Em relação às variáveis teor de brix, açúcares redutores e açúcares solúveis totais os valores médios foram 8,00, 12,64mg/ml e 45,47mg/ml respectivamente. Pode-se averiguar com os teores descritos, que os genótipos apresentaram uma grande quantidade de carboidratos. Observou-se a presença de espinhos no genótipo P2, P4, P5, P6, P11 e P15.

Figura 1: Dendograma de Dissimilaridade Genética entre genótipos de sisal, provenientes do Município de Nova Fátima-BA. Feira de Santana, 2016.



CONCLUSÃO

Existe variabilidade fenotípica e entre os genótipos a maior correlação observada foi entre as variáveis: largura da folha (LF), altura da planta (AP) e comprimento da folha (CF) com valores médios de 14,576m, 12,438m e 12,272m respectivamente. E as variáveis que obtiveram menor valor foram número de perfilhos por plantas (NPP) e número de folhas (NF) com valores médios de 0,165 e 1,968 respectivamente.

Os genótipos mais divergentes devem ser priorizados em futuros trabalhos de melhoramento genético que envolva hibridação.

REFERÊNCIAS

- ALVES, R.M.; GARCIA, A.A.F.; CRUZ, E.D.; FIGUEIRA, A. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.38, p.807-818, 2003.
- ARAMENDIZ-TATIS H; SUDRÉ CP; GONÇALVES LSA; RODRIGUES R. Potencial agronômico e divergência genética entre genótipos de berinjela nas condições do Caribe Colombiano. *Horticultura Brasileira*. V. 29, p. 174-180, 2011.
- BERTAN, I. ; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; VIEIRA, E. A.; HARTWIG, I; SILVA, J. A. G.; SHIMIDIT, D. A. M.; VALÉRIO, I. P.; BUSATO, C. C.; RIBEIRO, G. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. *Revista Brasileira de Agrociências*,v.12, n.3, p.279-286, Pelotas, jul-set, 2006.
- Chand N, Tiwary RK, Rohatgi PK (1998). Bibliography resource structure properties of natural cellulosic fibres; An annotated bibliography. *J. Mater. Sci.* 23: 381–387.
- DOWNIE, N. M.; HEATH, R. W. Basic statistical methods. New York: Harper & Brothers, 1959. 289p.
- OASHI. M. C. G. Considerações Gerais Sobre a Agave. Disponível em: <http://www.eps.ufsc.br/teses99/oashi/cap4.html>>. Acesso em: 26 de Julho de 2016.
- OASHI, M. C. G. Estudo da Cadeia Produtiva como Subsídio para Pesquisa e Desenvolvimento do Agronegócio do Sisal na Paraíba. Florianópolis, 1999. 178f. Tese (Doutorado em Engenharia de produção) - Universidade Federal de Santa Catarina, Florianópolis, Santa Catarina, 1999
- SANTOS, S. K. Estudo genético e citogenético em espécies do gênero Agave (Agavaceae). Feira de Santana, BA. 2014
- SANTOS, S. L. B. Variabilidade genética em populações de Agave sisalana Perrine (Agavaceae) detectada pela técnica Inter Simple Sequence Repeats (ISSR). Feira de Santana, BA. 2011
- TRELIM. Informações gerais sobre o sisal. Disponível em: <<http://www.trelim.com.br/index-63.html>>. Acesso em: 26 de Julho de 2016.